

# **BAB I**

## **PENDAHULUAN**

### **1.1. Latar Belakang**

Indonesia memiliki potensi keanekaragaman hayati yang paling tinggi di kawasan ASEAN (von Rintelen, dkk., 2017). Posisi geografis Indonesia yang strategis menjadi salah satu faktor penyebab tingginya keanekaragaman hayati di Indonesia. Hingga tahun 2017, diketahui sebanyak 31.750 keanekaragaman jenis tumbuhan dan jamur yang sudah diidentifikasi di Indonesia. Data tersebut terdiri dari 2.273 jenis jamur, 2.722 jenis lumut, 512 jenis lumut kerak, 1.611 jenis pteridofita, dan 24.632 jenis spermatofita. Total keanekaragaman tumbuhan di Indonesia mencapai 36,83% dari total flora di dunia. Jumlah keanekaragaman tumbuhan ini terus mengalami peningkatan dari tahun 2014 (Retnowati, dkk., 2019). Tingkat spesies flora endemik di Indonesia tercatat antara 40-50% dari total spesies flora di setiap pulau, kecuali Sumatera yang spesies endemiknya diperkirakan hanya 23%. Penemuan spesies-spesies baru akan terus bertambah jika ekspedisi terus dilakukan secepat dan semaksimal mungkin. Keanekaragaman hayati yang khas dan endemik ini membentuk kekayaan keanekaragaman Indonesia yang tidak tergantikan di dunia. Karena karakteristik endemik tersebut maka konservasi habitat flora serta pelestarian ekosistem keanekaragaman hayati menjadi sangat penting (Darajati, dkk., 2016).

Keanekaragaman hayati, dalam hal ini keanekaragaman tumbuhan, memiliki banyak manfaat dan merupakan penunjang bagi kelangsungan hidup manusia dan makhluk hidup lain. Krishnamurti (2000) dan Siboro (2019) mengemukakan berbagai manfaat keanekaragaman tumbuhan. Berbagai tumbuhan dapat dijadikan sebagai sumber makanan yang mengandung karbohidrat, protein, dan vitamin. Perkembangan pengobatan tradisional, obat-obatan modern, dan kosmetik pun sangat tergantung pada keragaman tumbuhan. Keragaman tumbuhan juga dapat dimanfaatkan untuk pengembangan ilmu pengetahuan. Banyaknya jenis tumbuhan yang belum dipelajari dan belum diketahui manfaatnya merupakan keadaan yang dapat dimanfaatkan sebagai sarana pengembangan penelitian di berbagai bidang pengetahuan. Jenis tumbuhan yang dimanfaatkan oleh manusia masih sangat kecil, oleh karena itu potensi pemanfaatan jenis tumbuhan masih sangat besar. Manfaat

potensial sumberdaya hayati terdapat pada sifat keturunan yang ada di dalam gen. Keanekaragaman hayati yang tinggi juga menjadikan suatu lingkungan ekosistem lebih stabil.

Disamping banyaknya manfaat yang diperoleh dari keanekaragaman flora di Indonesia, banyak juga hal yang dapat menyebabkan berkurangnya tingkat keanekaragaman ini. Menurut von Rintelen dkk. (2017) negara mega biodiversitas seperti Indonesia memiliki pengaruh terhadap iklim, sumber daya hayati, kesejahteraan manusia, dan kesehatan di seluruh dunia. Tingginya jumlah spesies endemik dibandingkan dengan tingginya jumlah spesies yang terancam punah dan jumlah spesies asing invasif yang tinggi membuat Indonesia lebih rentan terhadap dampak negatif. Pemicu hilangnya keanekaragaman hayati seperti deforestasi dan hilangnya habitat terus terjadi di Indonesia yang juga akan berakibat fatal.

Sumber daya hayati memiliki keragaman yang tinggi, akan tetapi keberadaannya sangat terbatas. Keanekaragaman hayati yang dikelola secara berlebihan hingga melampaui batasnya tidak dapat kembali lagi seperti keadaan aslinya (Samedi, 2015). Pemanfaatan keragaman hayati pada umumnya masih bergantung terhadap keuntungan yang besar. Hal ini akan berdampak buruk bagi lingkungan karena pemanfaatan varietas tumbuhan tertentu yang berlebihan akan berujung pada penyeragaman varietas tumbuhan itu saja serta hilangnya minat terhadap sumber daya hayati lain yang belum diketahui manfaatnya. Pemanfaatan dan penyeragaman salah satu varietas tumbuhan saja dapat menimbulkan erosi genetik sehingga menyebabkan krisis keanekaragaman hayati (Sutoyo, 2010).

Populasi manusia yang terus bertambah, mengakibatkan kebutuhan sumber daya alam juga semakin meningkat. Peningkatan kebutuhan manusia merupakan salah satu penyebab hilangnya habitat bagi keanekaragaman hayati. Keanekaragaman hayati yang dimanfaatkan untuk memenuhi kebutuhan manusia masih sangat kecil dibandingkan dengan jumlah jenis keanekaragaman hayati yang belum diteliti (Nooryanto, dkk. 2014; Samedi, 2015). Hal lain yang dapat mengancam keanekaragaman flora yaitu masuknya spesies invasif. Spesies invasif adalah spesies yang masuk ke dalam suatu habitat secara tidak alami dan dapat menyebabkan ancaman bagi ekosistem tersebut. Spesies invasif dapat mendominasi semua bagian ekosistem asli dan mendorong keberadaan spesies asli hingga punah

(Tjitrosoedirdjo, dkk., 2016). Tumbuhan invasif dapat berasal dari spesies asing yang masuk dan spesies lokal yang mengganggu pertumbuhan spesies lain di lingkungan aslinya (Nursanti & Adriadi, 2018). Perubahan iklim juga merupakan salah satu faktor penyebab berubahnya habitat yang tidak dapat dihindari. Hal ini dapat berujung pada kepunahan spesies. Pada abad berikutnya diperkirakan akan terjadinya kehilangan 20-50% dari semua spesies, beberapa diantaranya sudah punah sebelum sempat ditemukan. Tingkat kepunahan saat ini seratus kali lipat bila dibandingkan dengan keadaan sebelum manusia berevolusi. Dua spesies makhluk hidup telah punah setiap harinya sejak tahun 2010 (Samedi, 2015; Sutarno & Setyawan, 2015).

Usaha pencegahan dan penanggulangan kepunahan spesies flora tidak dapat berjalan begitu saja. Berbagai macam kendala seperti keterbatasan jumlah peneliti, sumber daya, dan kapasitas kelembagaan menjadi penghalang yang dihadapi dalam meneliti dan memanfaatkan keanekaragaman hayati Indonesia (Nooryanto, dkk. 2014). Keanekaragaman hayati flora yang sudah diidentifikasi sekitar 50% dari total flora yang ada di Indonesia. Perubahan yang drastis mengenai informasi kekayaan spesies dan hilangnya atau punahnya keanekaragaman hayati dalam kurun waktu tertentu menjadi alasan yang kuat untuk terus melakukan pemutakhiran data flora di Indonesia secara berkala (Darajati, dkk., 2016).

Rendahnya angka persentase tumbuhan Indonesia yang sudah diidentifikasi serta banyaknya hal yang mengancam kelestarian keanekaragaman flora menuntut para peneliti untuk segera menemukan cara yang lebih cepat dan efektif untuk mengidentifikasi flora lainnya yang belum dikenali demi kepentingan umat manusia. Fogelqvist dkk. (2015) dan Rukhsar dkk. (2017) mengemukakan bahwa secara tradisional identifikasi tumbuhan dilakukan dengan analisis morfologi karena penilaiannya yang lebih mudah dan cepat. Penggunaan ciri morfologi saja tidak cukup untuk mengidentifikasi suatu individu. Sifat-sifat morfologi pada dasarnya kurang konsisten karena sangat dipengaruhi oleh lingkungan sehingga identifikasi tumbuhan dengan karakter morfologinya saja dinilai masih memiliki kekurangan. Dengan berkembangnya ilmu pengetahuan, ditemukan cara-cara lain yang lebih cepat dan efektif untuk mengidentifikasi tumbuhan yaitu dengan menggunakan penanda DNA daerah tertentu yang dapat disusun menjadi DNA *barcode*.

DNA *barcode* atau kode batang DNA telah berkembang sejalan dengan metode identifikasi menggunakan genom. Menurut Kress & Erickson (2008), kode batang DNA adalah alat untuk identifikasi suatu spesies dengan cepat berdasarkan urutan DNA. Kode batang DNA terdiri dari urutan pendek DNA yaitu sekitar 400-800 pasang basa. Penggunaan kode batang DNA memungkinkan untuk mengenali spesies secara efisien dan mempercepat penemuan spesies yang belum teridentifikasi. Penyusunan kode batang DNA salah satunya dapat dengan memanfaatkan sekuen DNA daerah ITS. Beberapa penelitian (Michel, dkk., 2016; Ramalho, dkk., 2018; Selvaraj, dkk., 2015) telah membuktikan bahwa daerah ITS inti, terutama ITS2, merupakan penanda yang paling baik untuk mendiskriminasi tumbuhan.

Dengan terus berkembangnya metode identifikasi menggunakan sebagian kecil urutan DNA dari genom tumbuhan, sangat memungkinkan ditemukannya cara yang lebih efektif untuk mengidentifikasi spesies yang belum diketahui. Penelitian ini bertujuan mengembangkan kode batang DNA daerah ITS untuk kelas Magnoliopsida dan Liliopsida. Kelompok takson kelas pada tumbuhan adalah kelompok yang cukup besar dan memiliki cakupan spesies yang luas. Penelitian mengenai pengembangan kode batang DNA daerah ITS untuk identifikasi tumbuhan dengan cakupan yang luas namun spesifik dapat menjadi alternatif cara untuk identifikasi tumbuhan secara cepat. Hal ini diharapkan dapat menjadi satu dari sekian banyak cara untuk mempercepat proses identifikasi spesies tumbuhan dan menjaga kekayaan spesies tumbuhan di Indonesia secara berkelanjutan.

## **1.2. Rumusan Masalah**

Berdasarkan uraian latar belakang diatas, maka rumusan masalah pada penelitian ini adalah:

Bagaimana susunan kode batang DNA tumbuhan kelompok Magnoliopsida dan Liliopsida berdasarkan sekuen daerah *internal transcribed spacer* (ITS) dari genom inti?

## **1.3. Pertanyaan Penelitian**

Berdasarkan rumusan masalah diatas, didapatkan uraian pertanyaan sebagai berikut:

1. Bagaimana hubungan filogenetika tumbuhan kelompok Magnoliopsida dan Liliopsida berdasarkan sekuen daerah ITS?
2. Bagaimana susunan kode batang DNA tumbuhan kelompok Magnoliopsida berdasarkan sekuen daerah ITS?
3. Bagaimana susunan kode batang DNA tumbuhan kelompok Liliopsida berdasarkan sekuen daerah ITS?

#### 1.4. Batasan Masalah

Ruang lingkup yang membatasi penelitian ini diantaranya:

1. Sampel yang digunakan dalam penelitian ini terdiri dari tumbuhan yang merupakan anggota kelas Magnoliopsida dan Liliopsida mengacu pada klasifikasi oleh Cronquist (1981).
2. Penanda DNA yang digunakan untuk identifikasi tumbuhan kelas Magnoliopsida dan Liliopsida pada penelitian ini yaitu DNA genom inti tumbuhan daerah *internal transcribed spacer* (ITS), pada daerah ITS1, 5.8S, dan ITS2.
3. Data sekuen DNA daerah ITS yang digunakan merupakan data sekunder yang diperoleh dari National Center for Biotechnology Information (NCBI).
4. Analisis filogenetika kedua kelompok tumbuhan dan uji coba kandidat primer yang diperoleh dilakukan secara *in silico*.

#### 1.5. Tujuan

Tujuan dari penelitian ini dapat diuraikan sebagai berikut:

1. Merekonstruksi hubungan filogenetika tumbuhan kelompok Magnoliopsida dan Liliopsida berdasarkan sekuen daerah ITS.
2. Membangun susunan kode batang DNA berdasarkan sekuen daerah ITS dan memprediksi kemampuan amplifikasinya terhadap tumbuhan kelompok Magnoliopsida.
3. Membangun susunan kode batang DNA berdasarkan sekuen daerah ITS dan memprediksi kemampuan amplifikasinya terhadap tumbuhan kelompok Liliopsida.

#### 1.6. Manfaat

Adapun manfaat yang dapat diperoleh dari penelitian ini, yaitu:

1. Memberikan informasi mengenai hubungan filogenetika kelas Magnoliopsida dan Liliopsida berdasarkan sekuen DNA daerah ITS.
2. Memberikan informasi mengenai urutan kode batang DNA yang dapat digunakan untuk mengidentifikasi tumbuhan kelompok Magnoliopsida dan Liliopsida.
3. Menjadi sumber informasi mengenai pengembangan dan prediksi kode batang DNA dari genom inti tumbuhan secara *in silico*.

### 1.7. Struktur Organisasi

Penulisan skripsi ini mengacu pada “Pedoman Penulisan Karya Ilmiah UPI Tahun 2019” berdasarkan Peraturan Rektor Universitas Pendidikan Indonesia No. 7867/UN40/HK/2019. Isi utama pada skripsi ini terdiri dari lima bab mulai dari pendahuluan, kajian pustaka, metode penelitian, temuan dan pembahasan, hingga simpulan, implikasi, dan rekomendasi pada bab terakhir. Bab I berisi latar belakang, rumusan masalah, pertanyaan penelitian, batasan masalah, tujuan, dan manfaat dari penelitian ini. Latar belakang dari penelitian ini yaitu rendahnya persentase tumbuhan di Indonesia yang telah diidentifikasi serta banyaknya faktor penyebab kepunahan flora, sehingga dibutuhkan metode identifikasi tumbuhan yang lebih cepat dan efektif. Penggunaan kode batang DNA dari ITS untuk identifikasi tumbuhan merupakan metode yang lebih efektif untuk identifikasi tumbuhan sehingga bisa turut berkontribusi sebagai salah satu cara menjaga kekayaan spesies tumbuhan di Indonesia. Pada Bab I juga berisi rumusan masalah, pertanyaan penelitian, batasan masalah, tujuan, dan manfaat dari penelitian ini. Adanya batasan masalah bertujuan agar penelitian ini lebih terfokus dan menghindari pembahasan yang tidak terlalu berhubungan.

Bab II adalah kajian pustaka yang menyajikan teori dan konsep yang berkaitan dengan penelitian ini. Teori yang disajikan bersumber dari berbagai literatur seperti buku penunjang dan artikel penelitian dengan bahasan yang serupa. Kajian pustaka pada skripsi ini mendeskripsikan karakteristik tumbuhan kelas Magnoliopsida dan Liliopsida serta sistem klasifikasi dan hubungan filogenetika kedua kelompok tumbuhan, teori mengenai filogenetika molekuler secara umum serta genom pada tumbuhan yang dapat secara efektif digunakan untuk analisis filogenetika molekuler, daerah *internal transcribed spacer* (ITS) dari genom inti, pembahasan

mengenai kode batang DNA, serta pemanfaatan ITS dalam penyusunan kode batang DNA untuk tumbuhan. Teori-teori pada bagian kajian pustaka dapat dibandingkan atau dikaitkan dengan hasil penelitian yang telah didapatkan.

Pada Bab III berisi penjelasan mengenai rancangan alur penelitian mulai dari tahap persiapan, pengumpulan data, hingga langkah-langkah pengolahan data dan analisis yang dilakukan. Pada Bab ini dijelaskan secara berurutan mengenai jenis penelitian, subjek penelitian, waktu dan lokasi penelitian, dan prosedur penelitian yang terdiri dari tahap persiapan dan tahap penelitian, analisis data, serta alur penelitian yang dilakukan. Tahapan penelitian ini dimulai dari pengumpulan nama tumbuhan kelompok Magnoliopsida dan Liliopsida, koleksi sekuen DNA daerah ITS dari nama-nama tumbuhan yang sudah dikumpulkan, lalu langkah-langkah analisis filogenetika dan desain kode batang DNA secara *in silico*, serta uji coba kandidat kode batang DNA yang diperoleh.

Bab IV menyajikan hasil penelitian dari langkah-langkah penelitian pada Bab III. Bab ini berisi dua hal utama yaitu temuan penelitian dan pembahasan temuan penelitian untuk menjawab pertanyaan penelitian yang telah dituliskan pada Bab I. Temuan pada penelitian ini yaitu hasil rekonstruksi pohon filogenetika Magnoliopsida dan Liliopsida, kandidat primer Magnoliopsida dan Liliopsida, serta hasil uji coba pasangan kandidat primer Magnoliopsida dan Liliopsida pada setiap spesies tumbuhan. Dari temuan-temuan tersebut kemudian disusun pembahasan mengenai interpretasi hasil, kemungkinan-kemungkinan dari hasil penelitian, kaitannya dengan kajian pustaka yang relevan, kesesuaian hasil dengan penelitian sebelumnya, hasil yang menentang penemuan sebelumnya, kelemahan dan keterbatasan dari penelitian.

Bab V merupakan Bab terakhir yang berisi simpulan, implikasi dan rekomendasi. Bab ini berisi penafsiran peneliti secara umum terhadap hasil penelitian. Implikasi dan rekomendasi berisi hasil akhir dari penelitian ini dan pengaruhnya terhadap ilmu pengetahuan serta saran untuk melakukan penelitian selanjutnya.